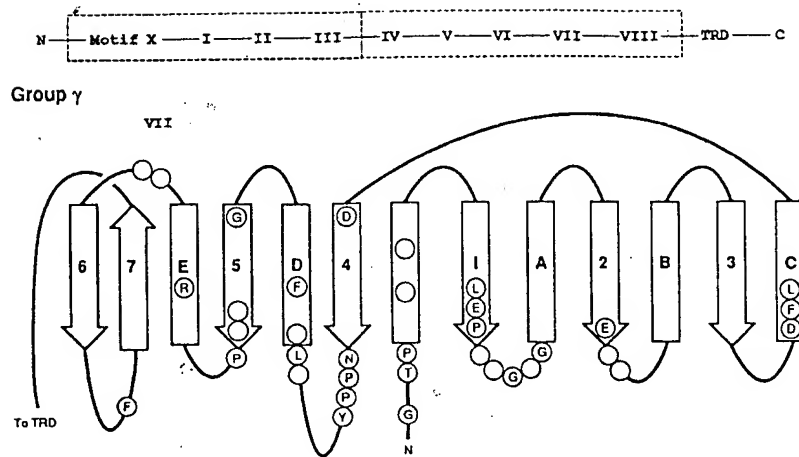


Figure 9



	VIII	VI	V	IV	X	I	II	III
Protein	Motif X				Motif I		Motif II	Motif III
AccI (N6)	30 Q Y Y F Y F Y Y Y akWI				55 V L E F A Q L C V Y S rAI	77 n i K A F E V D		93 e Y F D Y enV
BanIII	16 C ah Y Y T d Y g d i K akrL				49 g L E Y S c d d C e L l S L	69 f nn i d N Y E		87 E ke a D Y rLn
BsuBI	26 C Y T F S s S i F Mac E F				52 V L D A G a C i C s L t S AF	79 d l h l E Y D		98 a Y K b Y TeI
CviBIII	26 C Y T F S c T v r e K Y f g F t				53 V L E Y S c d d C e L l S ec	75 s i K Y E L D		100 Y Y N e D Y L W
Eco57I	14 C Y T F S c T v r e K Y f g F t				39 V L E Y S c d d C e L l S AI	65 c f e l F Y E		90 K te g D Y L V W
HincII	10 C Y T F S c T v r e K Y f g F t				34 V L E Y S c d d C e L l S L	55 n l t s Y Y D		71 V Y N S S Y T s
Paer7I	-10 C Y T F S c T v r e K Y f g F t				22 V L E Y S c d d C e L l S PI	83 K re G Y S AN		100 Y Y N e D Y L W
PstI	36 C Y T F S s S a S e L Man I F				61 V L D A G a G s L t a AF	110 K i R A M E F E		124 K re G Y S AN
TaqI	19 C r V e n p e p v d F h S La				43 V L E Y S c d d C e L l S AF	66 R f V Y E L D		85 g Y L a D Y L W
TthHB8I	17 C r V e n p p g v r F h V gLa				41 V L E Y S c d d C e L l S AF	64 R f V Y E L D		83 g Y L a D Y L W
VspI	116 C Y T F S c T v r e K Y f g F t				141 F c D E C c T v r e K Y f g F t	181 d e V A L E S		195 K re G Y S AN
EcoRI	50 P r V s N F F K Y F av N F D n L				79 n k E G F s S s e a a k N G F	104 K l V f d D I S		123 s e S i D L L k k
COMtase	41 n v g d a k g q I n D a V i r e Y				62 V L E L G a y c G s a v r M	85 R l t M E M N		117 g a S q D L I p q
HhaI (C5)	298 G N S V V i n V l q Y i a y N i g				14 F I D L F a Q L G Y r l A L	35 c v Y s N E W D		56 k p e G D i t q v
Protein	Motif IV			Motif V		Motif VI		Motif VII
AccI (N6)	117 V D G Y S c T v r e K Y f g F t			154 N Y T l F l K s T -h Q S q n G r C a Y i F s E L				190 V R T Y L i K s k t r h I L
BanIII	132 V D G Y S c T v r e K Y f g F t			166 D L H a P l V a - h Q S q n G r C a Y i F s E L				202 T q f f a e n y d i e L
BsuBI	137 V D G Y S c T v r e K Y f g F t			168 N Y S a S a Y l T v - d l M S d G e L v Y i F s E L				204 F q h l i n k t s r K h N
CviBIII	113 V D G Y S c T v r e K Y f g F t			141 N Y S a S a Y l T v - d l M S d G e L v Y i F s E L				178 K l i n i t d i s f e L
Eco57I	110 V D G Y S c T v r e K Y f g F t			149 N Y S a S a Y l T v - d l M S d G e L v Y i F s E L				185 L Y S Y g h v c s k i v Y
HincII	85 V D G Y S c T v r e K Y f g F t			123 D Y V i S i R i K s - l Q Y G C e L V i C d Y F				159 K k f i n n g s F e K i L
Paer7I	114 V D G Y S c T v r e K Y f g F t			149 D Y V i S i R i K s - l Q Y G C e L V i C d Y F				185 L Y S Y g h v c s k i v Y
PstI	146 V D G Y S c T v r e K Y f g F t			177 N Y S a S a Y l T v - d l M S d G e L v Y i F s E L				213 F q h l i n k t s r K h N
TaqI	99 V D G Y S c T v r e K Y f g F t			141 N Y S a S a Y l T v - d l M S d G e L v Y i F s E L				177 L Y S Y g h v c s k i v Y
TthHB8I	97 V D G Y S c T v r e K Y f g F t			139 N Y S a S a Y l T v - d l M S d G e L v Y i F s E L				175 L Y S Y g h v c s k i v Y
VspI	211 V D G Y S c T v r e K Y f g F t			265 L Y S a S a Y l T v - d l M S d G e L v Y i F s E L				310 K k f i n n g s F e K i L
EcoRI	133 s D i V V t N P F s l f r e Y l d			175 N L i k e n i w l g v h l g r -- G v s g F I V P e h Y e				208 a R i d s n g n r i I s p n n
COMtase	135 L d m V F l D h w k-----			147 Y L p d t L L l e k g l r K-- G t V l L a D N V i p				183 V R g s s s f e c t h Y s s Y L
HhaI (C5)	72 h D i L c a g f P C Q A f s i s g k			99 t L f f d i - a R i v -r e k K -- P k V V F M E N V k n F				136 V X n t M n e l D Y S F h a K V
Protein	Motif VIII		MW	Target		Swissprot		
AccI (N6)	209 e e n v G d d a L		540 aa	GTTCAC		P25201		
BanIII	220 d t k l S a a v		580 aa	ATCGAT		P22772		
BsuBI	223 r d k a k d d e		501 aa	CTGCAG		P33563		
CviBIII	194 d k h d S e d t n		377 aa	TCCA		P10835		
Eco57I	202 k e i w S e d t L		540 aa	CTGAAG		P25240		
HincII	177 e s K Y h g v s		502 aa	GTTCAC		P17744		
Paer7I	203 d t p a h s d v		531 aa	CTGCAC		P05103		
PstI	232 r k s a k s a d		507 aa	CTGCAG		P00474		
TaqI	192 l g e v P q k k		421 aa	TCCA		P14385		
TthHB8I	190 l g e v P q k k		428 aa	TCCA		P25749		
VspI	333 s q r Y L e k n p		408 aa	ATTAAT		Q03055		
EcoRI	228 n l e V r i r h k		325 aa	GAATTC		P00472		
COMtase			221 aa	catechol		P22734		
HhaI (C5)	161 Q k R e R i y m i		327 aa	GCGC		P05102		

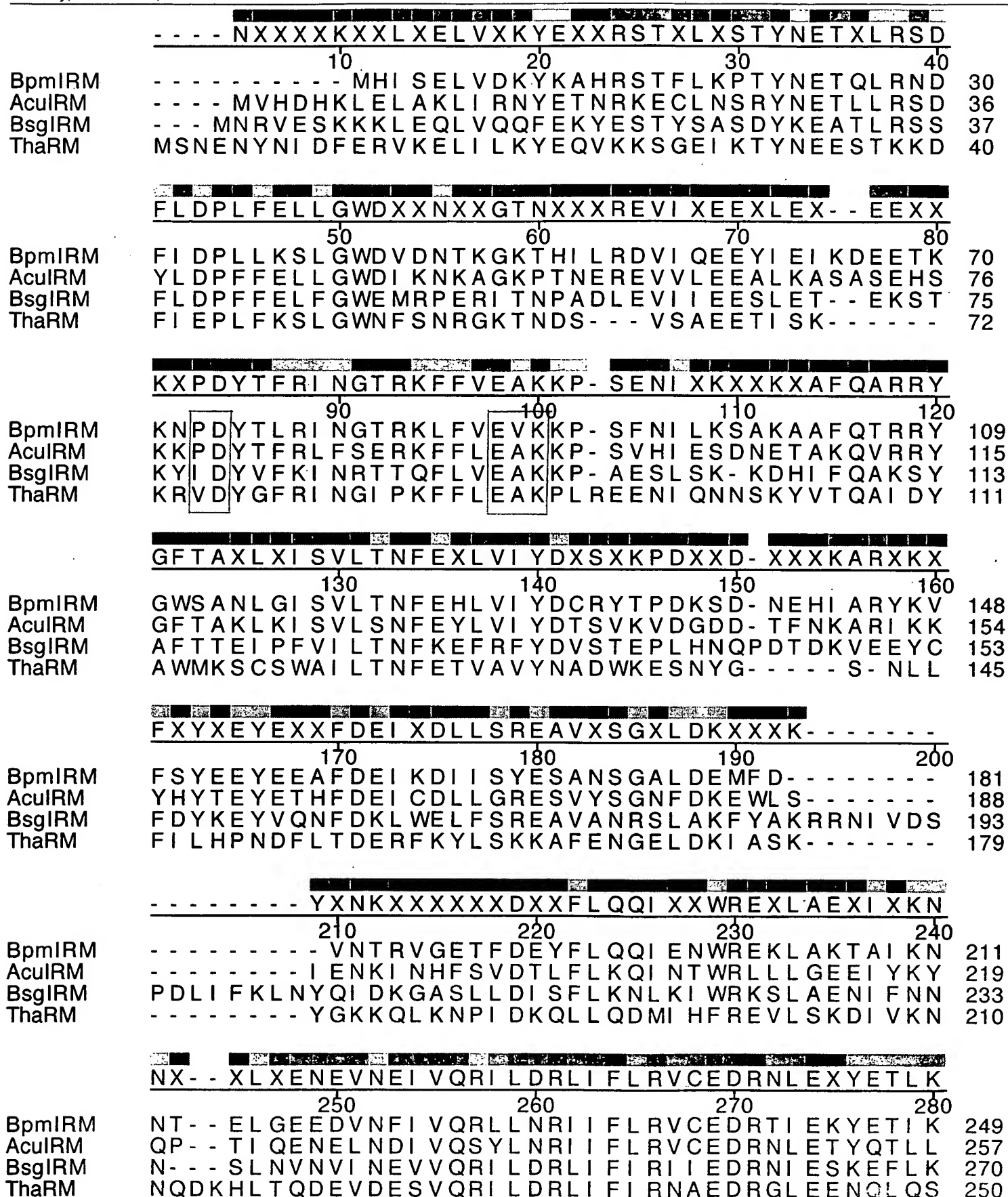


Figure 10-1

Figure 10-2

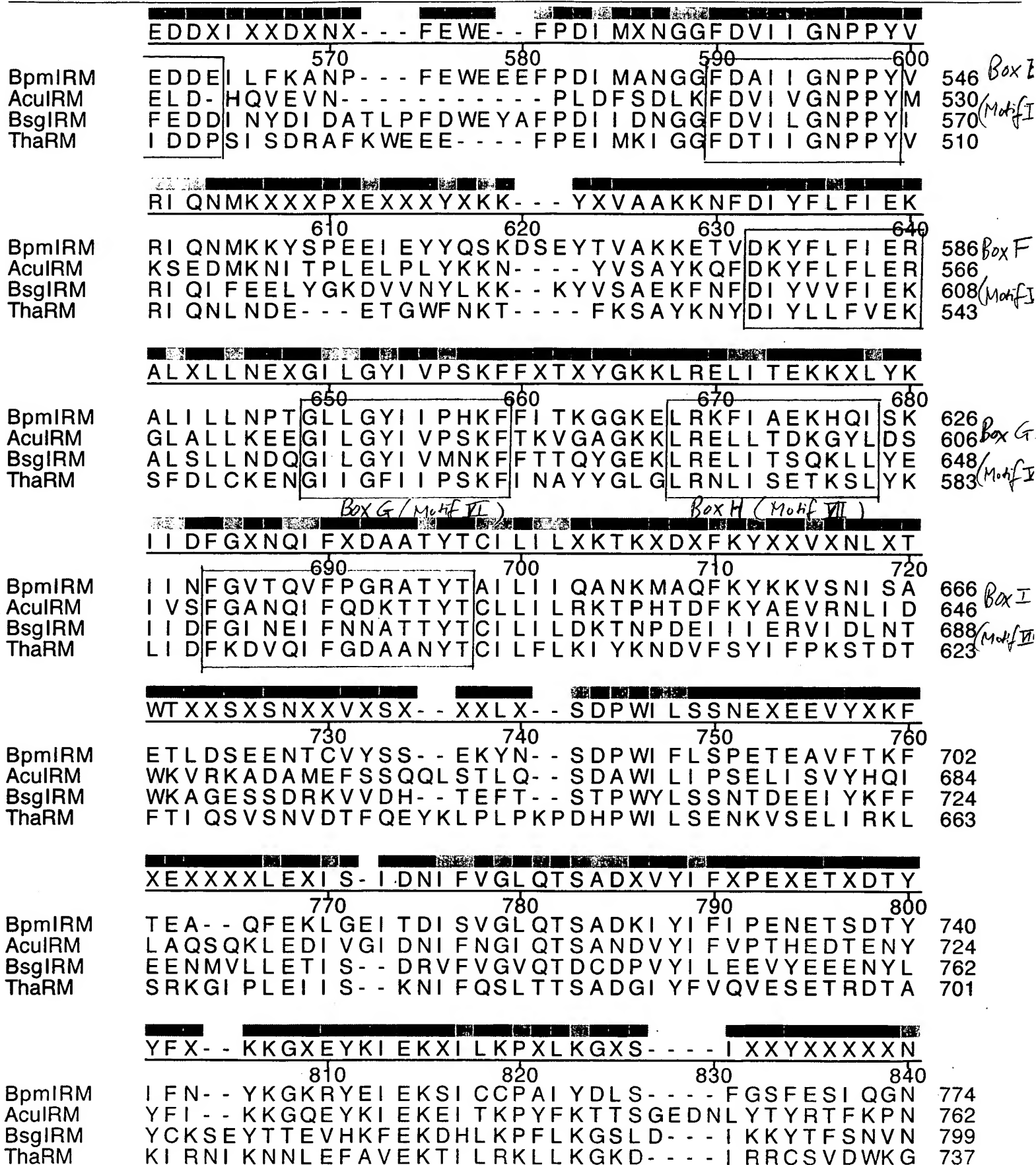


Figure 10-3

Monday, October 16, 2006 1:30 PM

	AXVI FPYTXDXAXLI PLXTI KXXFPLAYKYLSXKEXL	
	850 860 870 880	
BpmIRM	AQMI FPYEI RDEEAYLLEEETLENDYPLAWNLYLNEFKEAL	814
AcuIRM	ARVI YPYTQTESSVELI PLDEI REI FPLAYKYLSLKFVL	802
BsgIRM	KWL LFPYTNSENTSDLI PETTYKQYFPETWKYLESCKERL	839
ThaRM	SYVVYPYL VKDDKASLI TLSEI KDRYPLAYEYFKHYELQL	777
	XX- KRSI XXR- - - - XNEWHQYGRXQSLXKFX- QXKI VX	
	890 900 910 920	
BpmIRM	E- - KRSLQGR- - - - NPKWYQYGRSQSLSKFHDKEKLI W	846
AcuIRM	SSPKRDI KPRPKT- - - TNEWHRYGRHQSLDNCGLSQKI I V	839
BsgIRM	AK- RKSIE RELDI NPNYNEWYKYI YKKNHTRMD- QLKI VF	877
ThaRM	KTREDNKLKD- - - - DENWHQYI YRKNLEKFE- QKKI VT	810
	XVLA XGXXFAI DXNG- - - FLFSGGGNGGGGX XI VLPDQSYX	
	930 940 950 960	
BpmIRM	TVLATKPPYVLD RNN- - - LLFTGGGNG- - PYYGLI NQSI Y	881
AcuIRM	GVLSVGDKYAI DTYG- - - TLI SSGGTAGYCVVALPDDCKY	876
BsgIRM	PAI SKGSSF CYDSDGEYFVVGSGAGGGGGGAI VLPDQSDY	917
ThaRM	QVLASKNTFAI DLNG- - EFYFVGDNAGGYGI VLNDNNQN	848
	SYYYLLGI LNSXVLEXXXKXRG SXFRGGYYSXGKKFI ENL	
	970 980 990 1000	
BpmIRM	SLHYFLGI LSHPVI ESMVKARASEFRGSYYSHGKQFI EKI	921
AcuIRM	SIYYLQAI LNSKYLEWFSALHGEVFRGGYI ARGTKVLKNL	916
BsgIRM	NYLSLLGI LNSEVVSYQI VRRGSKHKGSYYGVDDKKRI ENL	957
ThaRM	MYYFVLALLNSNVLEFYLNKNI STPFRRGGYFSYGKRFI DKL	888
	PI RKI DFDNX- E- NLFDXVSTXVKELI XI XDKI XXXXNTD	
	1010 1020 1030 1040	
BpmIRM	PI RKI DFDDQDEV DKYNTVVT TVEKLI I TTDRI KSESNGP	961
AcuIRM	PI RKI DFDNLEEANL HDLI ATKQKELI EI YDKI DVNVNNK	956
BsgIRM	YVPLI NEDNK- - - NLF SNI SKMVAQI LDAFQKMHQAGTTD	994
ThaRM	PLLI PKD- - - - - SRFDSVSSLSKEQMNI SKKMRNFPNTD	922
	RRX- XLQRRXDXLXXXLNQLI YELYNLXVEEXTXXXNXLX	
	1050 1060 1070 1080	
BpmIRM	RRR- MLRRRLDAL SNQLI QVINEL YNI SDEEYTTVLNDEM	1000
AcuIRM	RVL TPLQRMFKREKEVL DQLLSRLYNLGVDDSLI PYI KDL	996
BsgIRM	VGKEQLQQRI KMLNARI NELVYRLYNLPVEYKEYI KNALE	1034
ThaRM	ERD- LLEREYDKRCQELNQMI YEI YGLNKL EITLLDDR LC	961
	X- A- - - - -	
	LTAALGEEK	1009
BpmIRM	YEAH	1000
AcuIRM	N	1035
BsgIRM	Q	992
ThaRM		

Figure 10-4